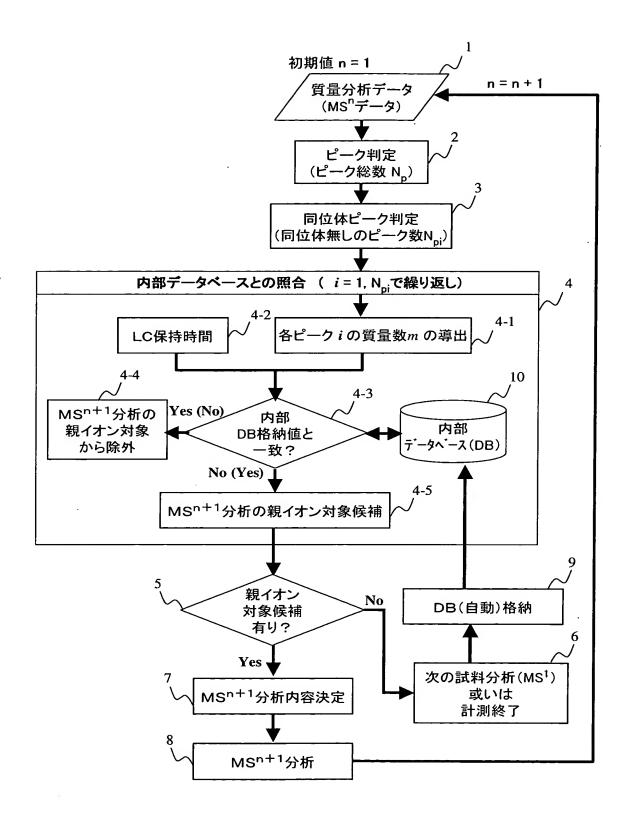
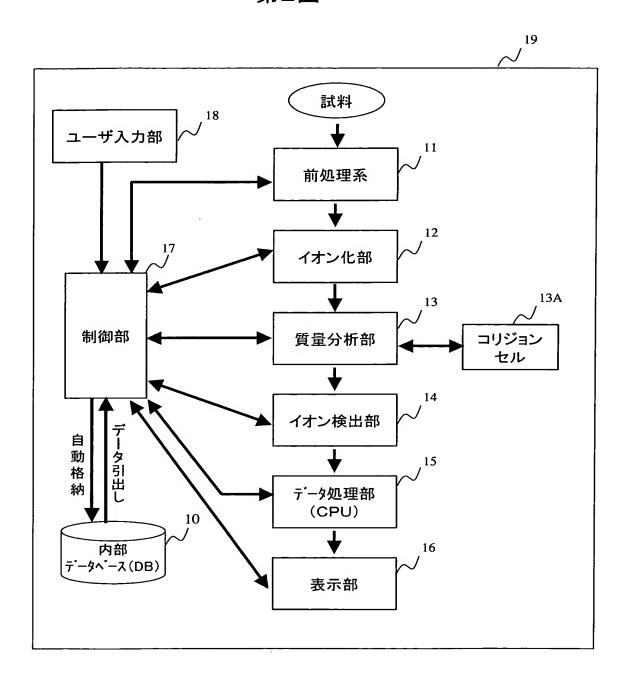
第1図

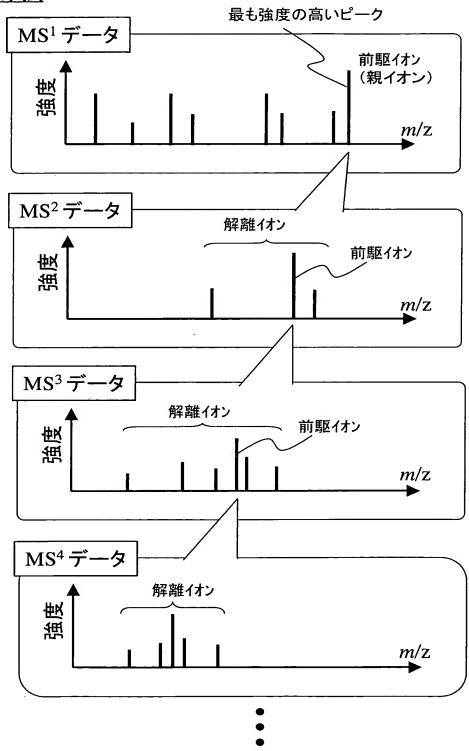


第2図

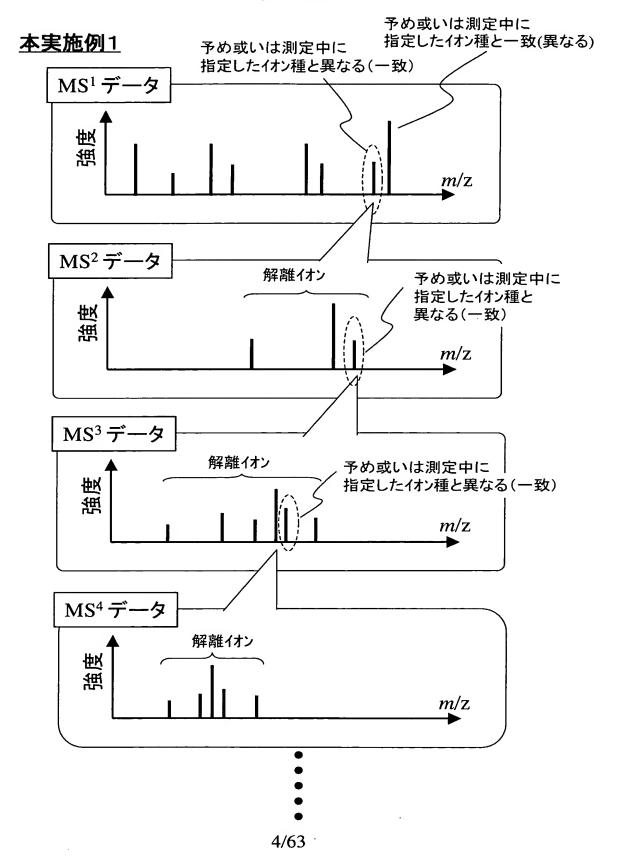


第3A図

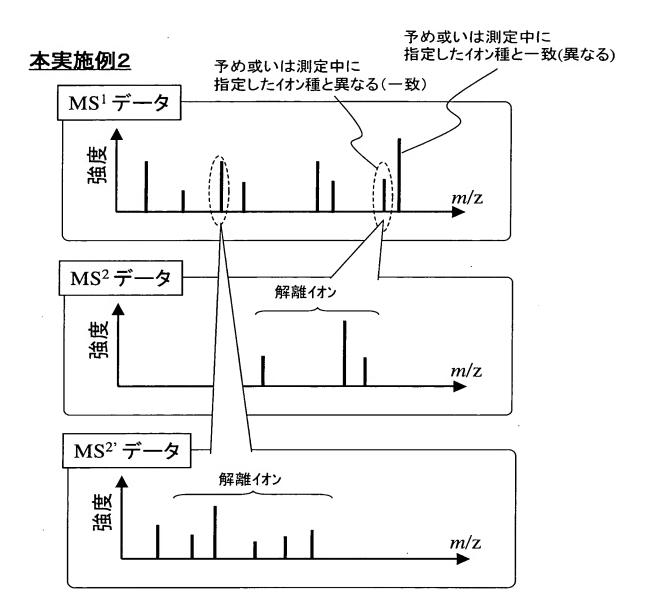




第3B図



第3C図





第4図

DB(自動)格納

同定済み蛋白質 A のアミノ酸配列

ヒトミオグロビンの場合

---YLEFISECIIQVLQSKHPGDFGADAQGAMNKALELFRKDMASNYKELGFQG --- C末端



消化酵素の種類

《例》トリプシン の場合

切断の特徴-----C末端がR, K



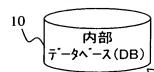
酵素消化後、予想される生成ペプチドの配列&質量数

予想生成ペプチド	アミノ酸配列*	質量数 m [Da]
ペプチドA	MGLSDGEWQLVLNVWGK	1932.20484
ペプチドB	VEADIPGHGQEVLIR	1632.81642
ペプチドC	LFK	406.519220
ペプチドD	GHPETLEK	909.983260
ペプチドE	FDK	408.448980
ペプチドF	FK	293.361540
ペプチドG	HLK	396.484720
ペプチドH	SEDEMK	737.777560
ペプチドΙ	ASEDLK	661.702060
ペプチドJ	K	146.187640
ペプチドK	HGATVLTALGGILK	1350.60666
ペプチドレ	K	146.187640
ペプチドM	K	146.187640
ペプチドN	GHHEAEIK PLAQSHATK	1854.048
ペプチドO	нк	283.327040
ペプチドP	IPVK	455.591640
ペプチドQ	YLEFISECIIQVLQSK	1913.23960
ペプチドR	HPGDFGADAQGAMNK	1515.60806
ペプチドS	ALELFR	747.882340
ペプチドT	K	146.187640
ペプチドU	DMASNYK	827.903480
ペプチドV	ELGFQG	649.692900
		,

*:アミノ酸の一文字表記

内部データベースに(自動)格納

第5図



内部 DBの内容

・一度、MSn(n≥2)計測終了したペプチドの特性データ

(質量数 m, LCの保持時間 t, 価数 z, 質量対電荷比 m/z,検出強度I, 分析条件)

ペプチド名/配列	m [Da]	z [-]	m/z	I	T [min]	分析条件(例:タンデム分析次数)
ペプチドA	200	1	200	15160	20	2
ペプチドB	700	2	350	2100	28	3
ペプチドC	450	1	450	4754	35	2
:	:	:	:	:	•	•
•	•	•	•	•	•	•

• 一度同定した**タンパク質**或いはタンデム分析対象から除外したい**タンパク質**由来のペプチドの特性データ (タンパク質名やID番号, 質量数 m, LCの保持時間 τ , 価数 z, 質量対電荷比 m/z,検出強度I, 分析条件)

蛋白質名	m [Da]	z [-]	m/z	I	T [min]	分析条件 (例:タンデム 分析次数)
蛋白質A	570	1	570	25010	25	刀切(次致) 2
蛋白質A	652	1	652	3140	32	3
蛋白質A	652	2	326	58754	45	2
:	:	:	:			
蛋白質B	1042	2	521	6456	22	2
蛋白質B	718	2	359	3080		3
蛋白質B	671	2	335.5	8054		3
:	•	:	:			
	蛋白 蛋白 蛋白 蛋白 蛋白 蛋白 蛋白 蛋白 蛋白 蛋白 蛋白 蛋白 蛋白 蛋	蛋白質A 570 蛋白質A 652 蛋白質A 652 : : 蛋白質B 1042 蛋白質B 718	蛋白質A 570 1 蛋白質A 652 1 蛋白質A 652 2 	蛋白質A 570 1 570 蛋白質A 652 1 652 蛋白質A 652 2 326 : : : : : : : 蛋白質B 1042 2 521 蛋白質B 718 2 359	蛋白質A 570 1 570 25010 蛋白質A 652 1 652 3140 蛋白質A 652 2 326 58754 	蛋白質A 570 1 570 25010 25 蛋白質A 652 1 652 3140 32 蛋白質A 652 2 326 58754 45 : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

・一度、MSn(n≥2)計測終了した糖鎖の特性データ

(質量数 m, LCの保持時間 t, 価数 z, 質量対電荷比 m/z,検出強度I, 分析条件)

糖鎖名/構造	m [Da]	z [-]	m/z	I	T [min]	分析条件(例:タンデム分析次数)
糖鎖A	1002	2	501	15710	55	2
糖鎖B	840	2	420	8340	34	3
糖鎖C	1280	2	640	10754	42	2
	:	:	:	:	:	

・一度、MSⁿ (n≥2)計測終了した**化学物質**の特性データ

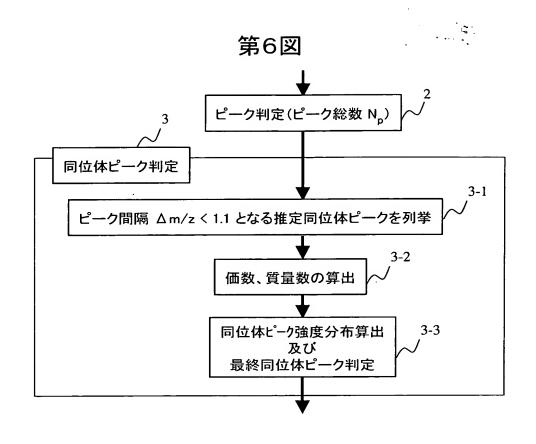
(質量数 m, LCの保持時間 t, 価数 z, 質量対電荷比 m/z,検出強度I, 分析条件)

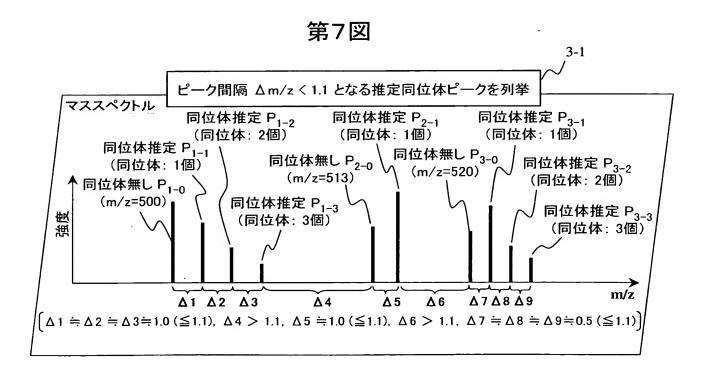
化学物質名/構造	ˈm [Da]	z [-]	m/z	I	T [min]	分析条件(例:タンデム分析次数)
化学物質A	270	1	270	85510	23	2
化学物質B	358	1	358	9840	47	2
化学物質C	682	2	341	20764	82	2
:	:	:	:	:	:	:
•	•	<u> </u>	•	•	•	

・ノイズや不純物由来のイオン種の特性データ

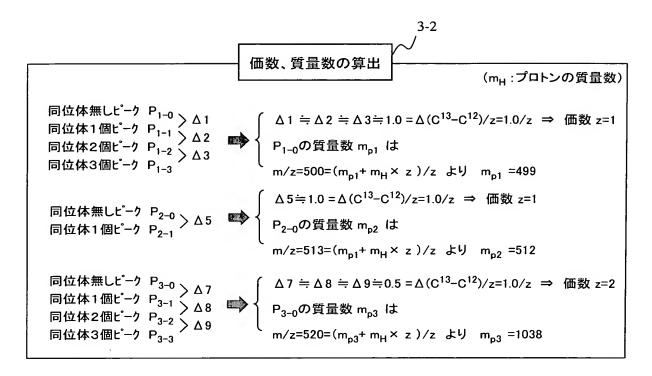
(質量数 m, LCの保持時間 t, 価数 z, 質量対電荷比 m/z,検出強度I, 分析条件)

m [Da]	z [–]	m/z	I	T [min]	分析条件(例:タンデム分析次数)	
361	1	361	_	15	_	
640	1	640	-	40	-	
740	1	740	-	31	-	
•	•	•	•	•	•	
:	<u> </u>	<u> </u>	<u> : </u>	:	<u> </u>	

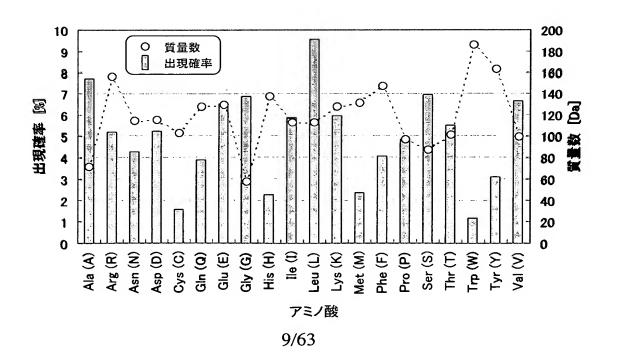




第8図



第9A図



同位体ピーク強度分布算出 及び 最終同位体ピーク判定

質量数から各元素数の算出

ペプチド (C_{Nc}N_{Nn}H_{Nh}O_{No}S_{Ns}) の場合

´Cの数:Nc= m ×nC/111.1807 Oの数:No= m ×nO/111.1807 Nの数:Nn= m ×nN/111.1807

Hの数: Nh= m × nH / 111.1807 Sの数: Ns= m × nS / 111.1807 表A. 平均アミノ酸 111.1807 [amu]当たりの各元素数

nC	nO	nN	nН	nS
4.9583	1.4733	1.3547	7.8185	0.0396

同位体ピーク強度分布の算出

表B. 各同位体元素の質量と存在比

同位体 (C¹³)のみ考慮 の場合

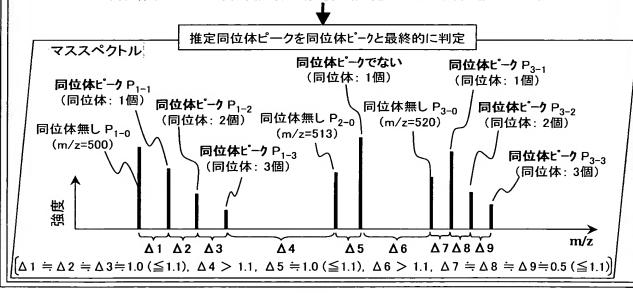
同位体ピーク強度 P_{Nis} (同位体数 がNis個の時):

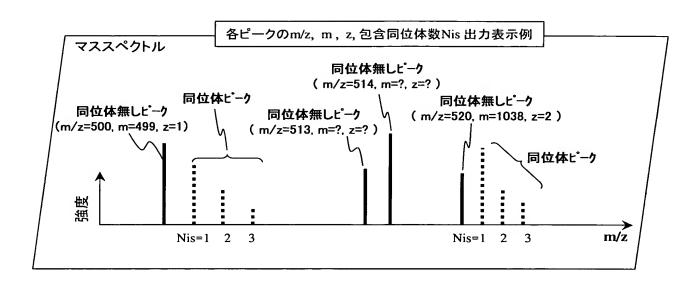
 $P_{Nis} = [_{Nc}C_{Nis} \cdot pC(1)^{(Nc-Nis)} \cdot pC(2)^{Nis}]$ $\times pH(1)^{Nh} \cdot pN(1)^{Nn} \cdot pO(1)^{No} \cdot pS(1)^{Ns}$

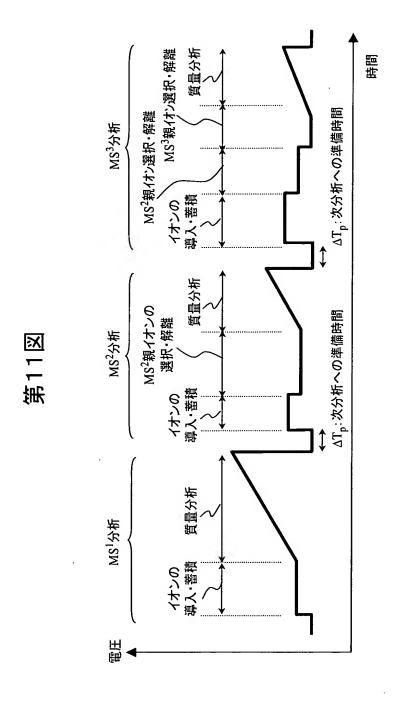
	質	量数	存在比		
С	mC(1)	12	pC(1)	0.9889	
	mC(2)	13.003354	pC(2)	0.0111	
Н	mH(1)	1.007825	pH(I)	0.9999	
<u> </u>	mH(2)	2.014102	pH(2)	0.0001	
N	mN(1)	14.003074	pN(1)	0.9963	
	mN(2)	15.000108	pN(2)	0.0037	
0	mO(1)	15.994915	pO(1)	0.9976	
1	mO(2)	16.999133	pO(2)	0.0004	
	mO(3)	17.999160	pO(3)	0.0020	
S	mS(1)	31.972074	pS(1)	0.9502	
	mS(2)	32.971460	pS(2)	0.0075	
1	mS(3)	33.967864	pS(3)	0.0422	
	mS(4)	35.967091	pS(4)	0.0001	

最終同位体ピーク判定

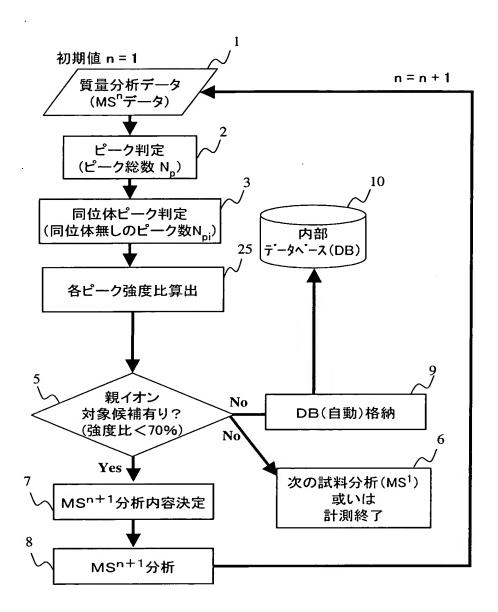
推定同位体ピークのうち、同位体ピークの強度分布算出値P_{Nis}と同位体無しピークに対する相対計測強度の相対値が50%未満の誤差で一致



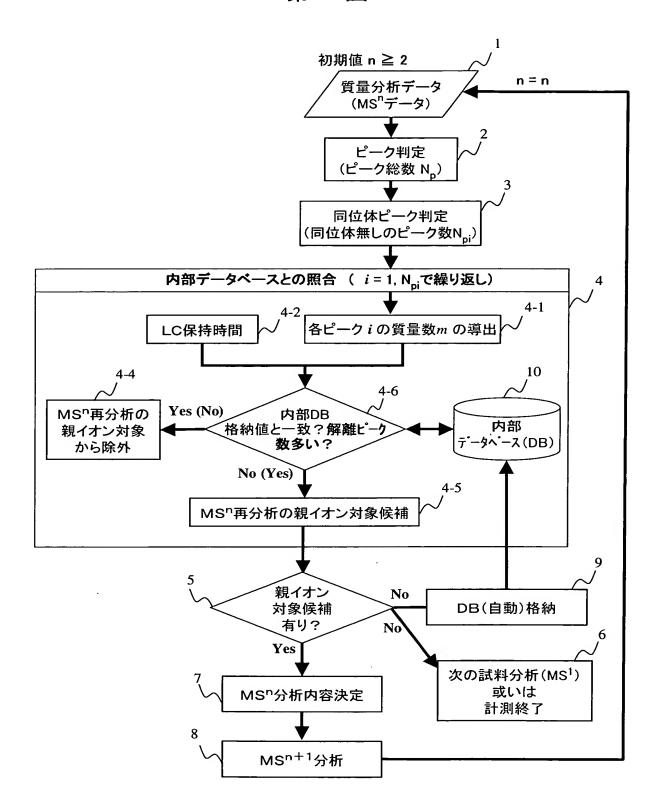




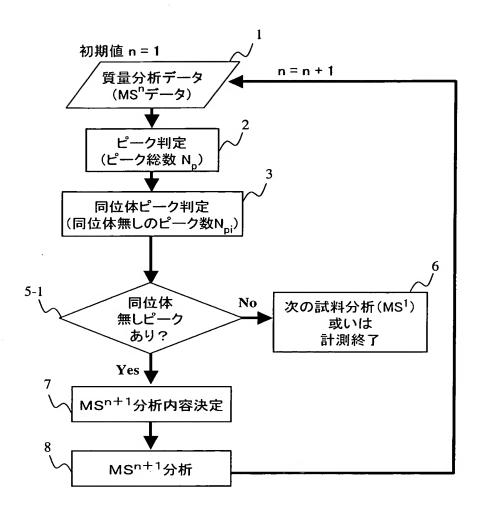
第12図



第13図

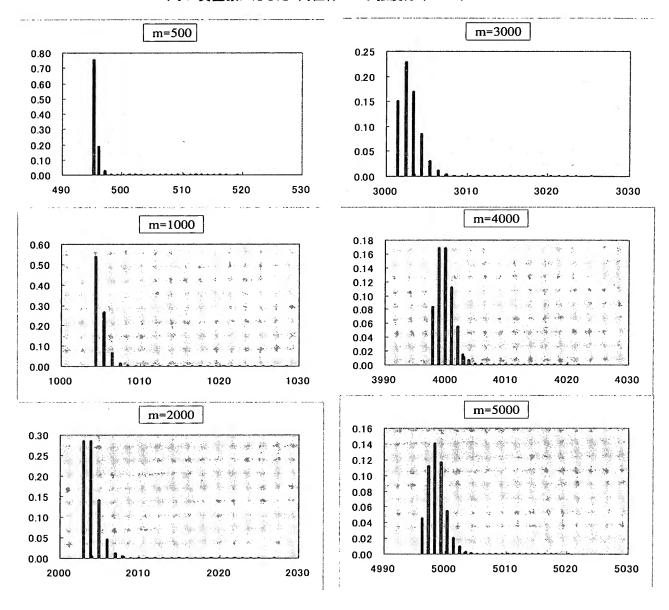


第14図

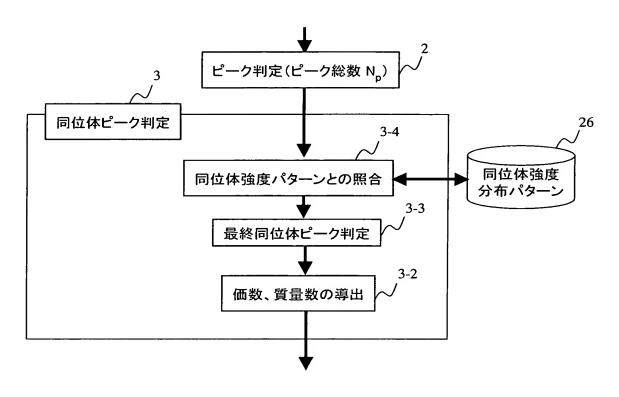


第15図

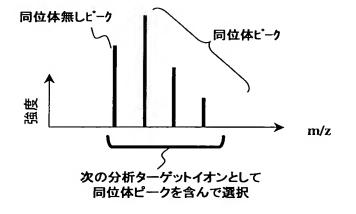
イオン質量数に応じた 同位体ピーク強度分布のパターン



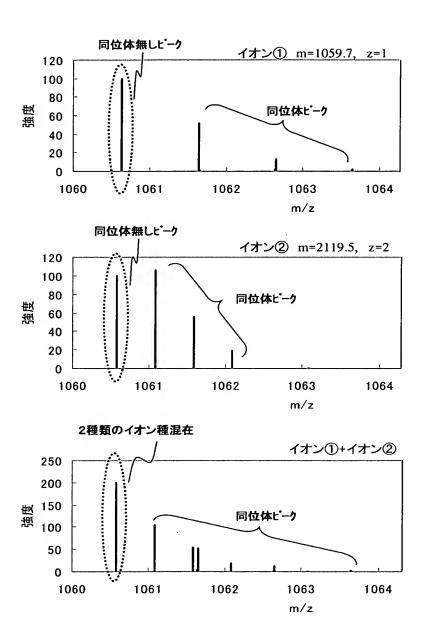
第16図

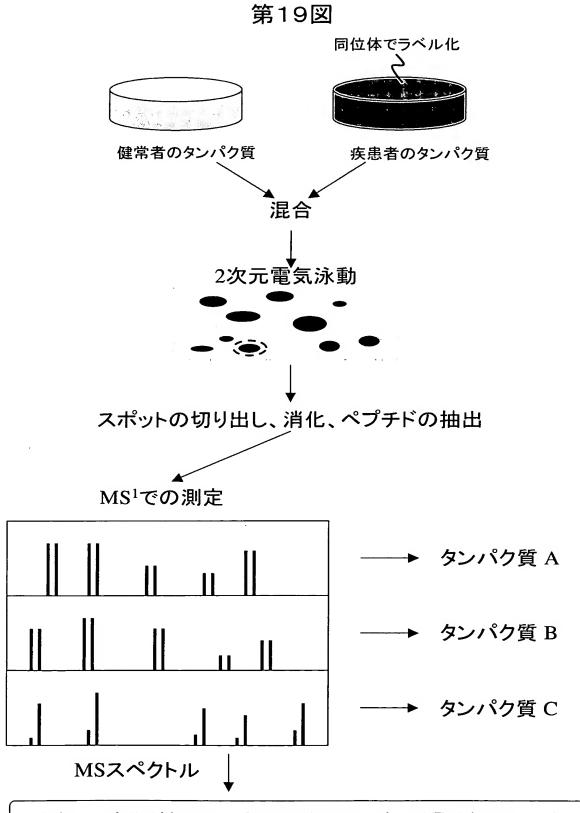


第17図



第18図

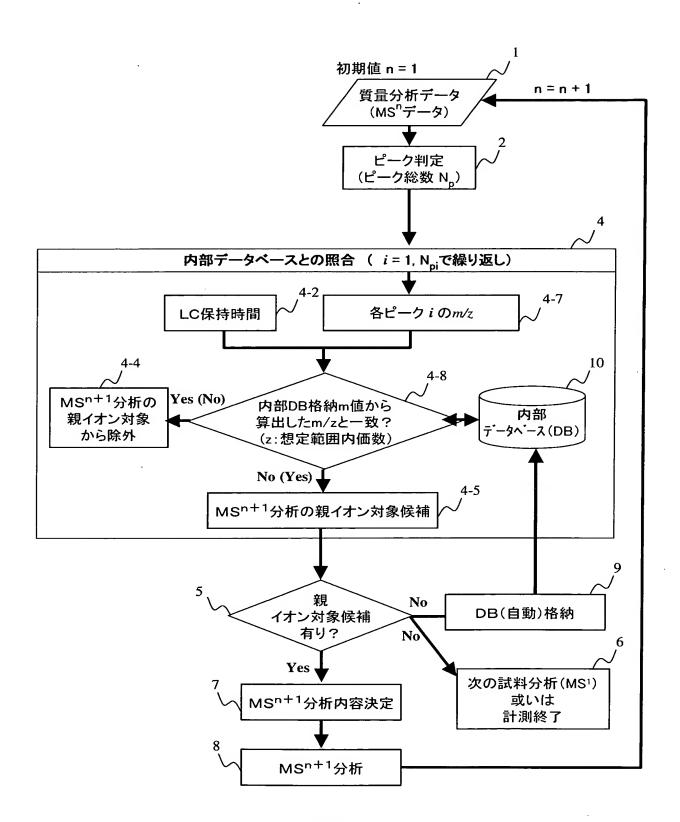




N

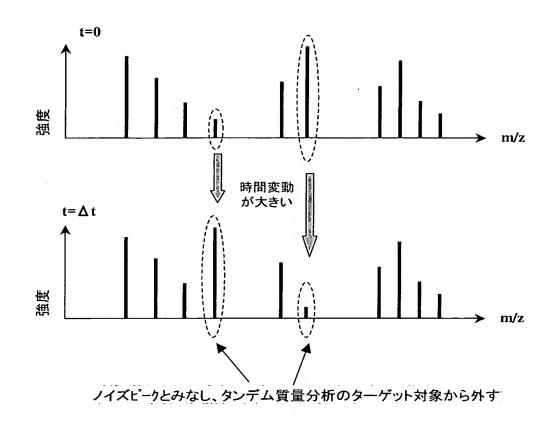
強度比に変化があるタンパク質を次のタンデム質量分析のターゲット

第20図

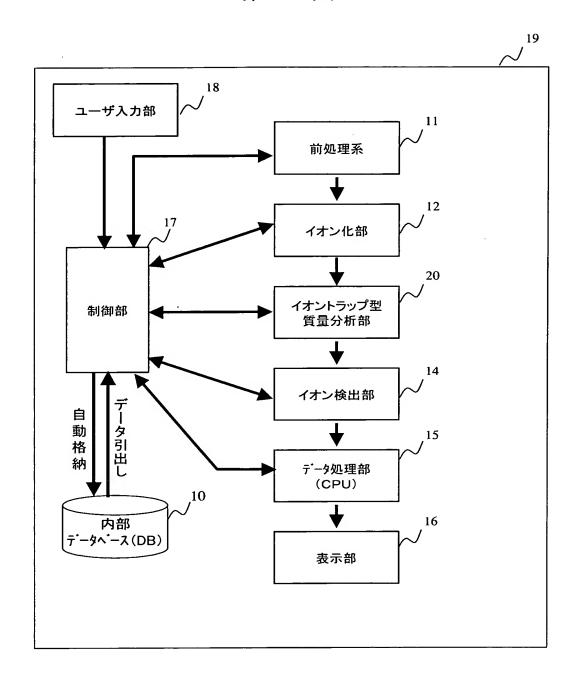


第21図

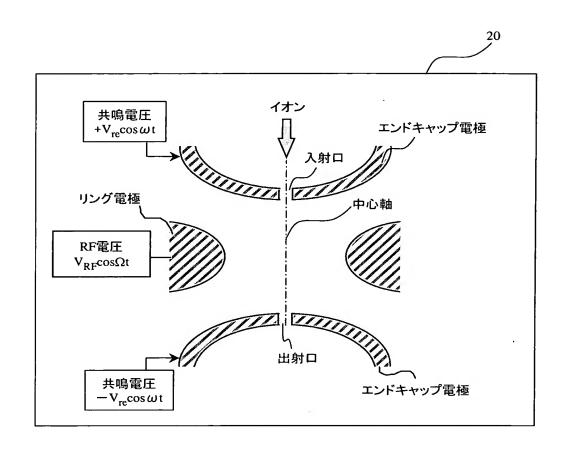
マススペクトル



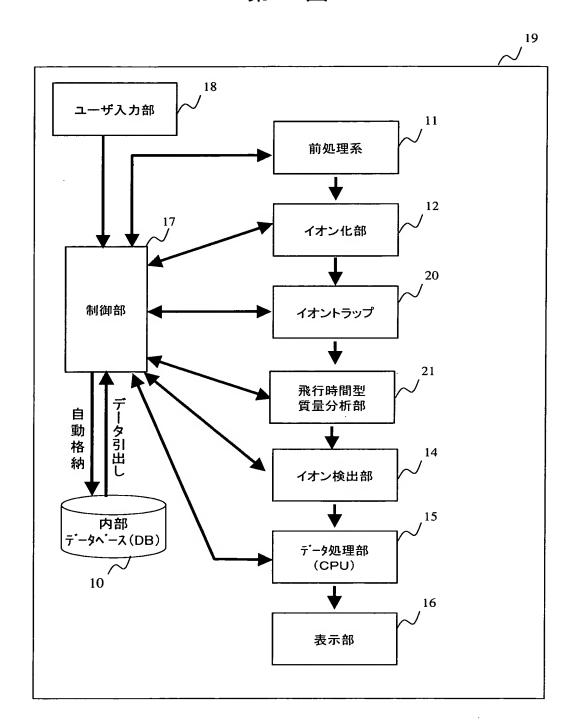
第22a図



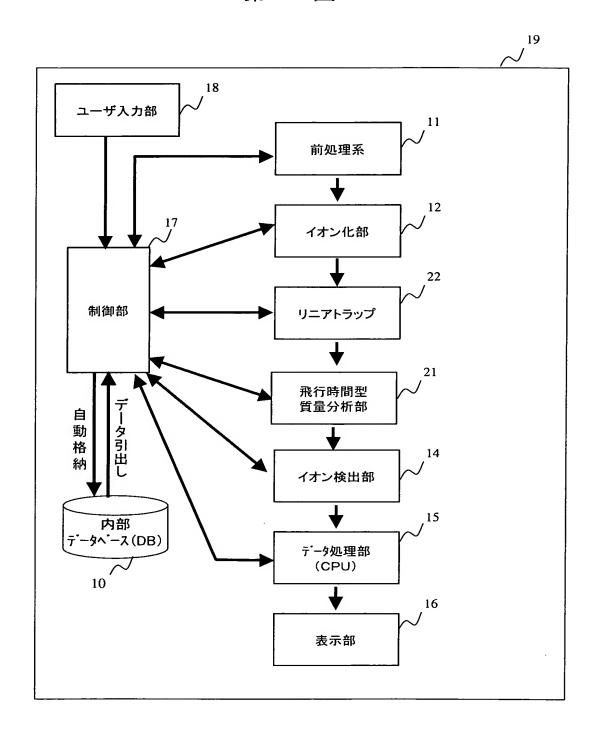
第22b図



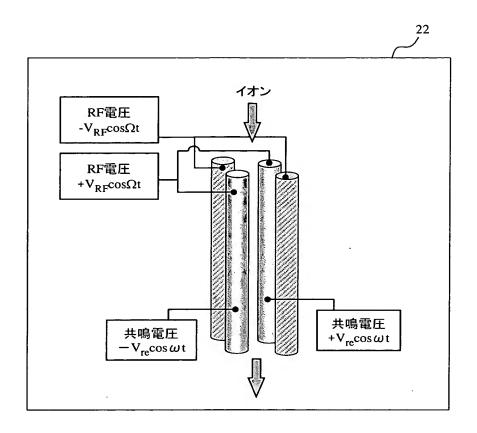
第23図



第24a図

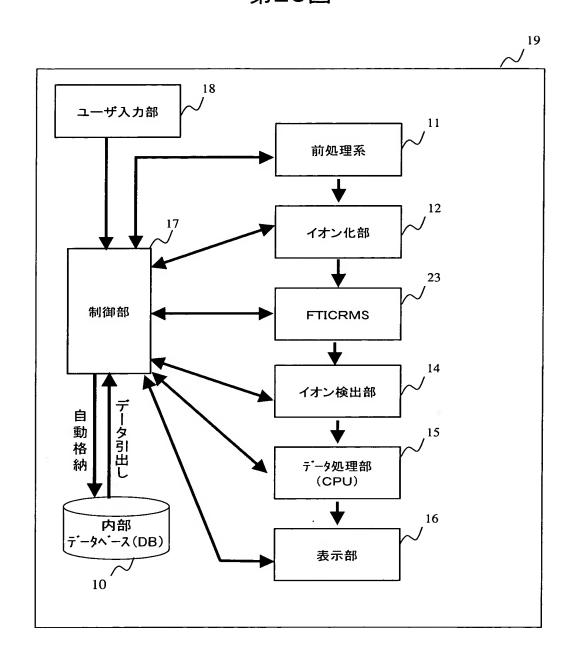


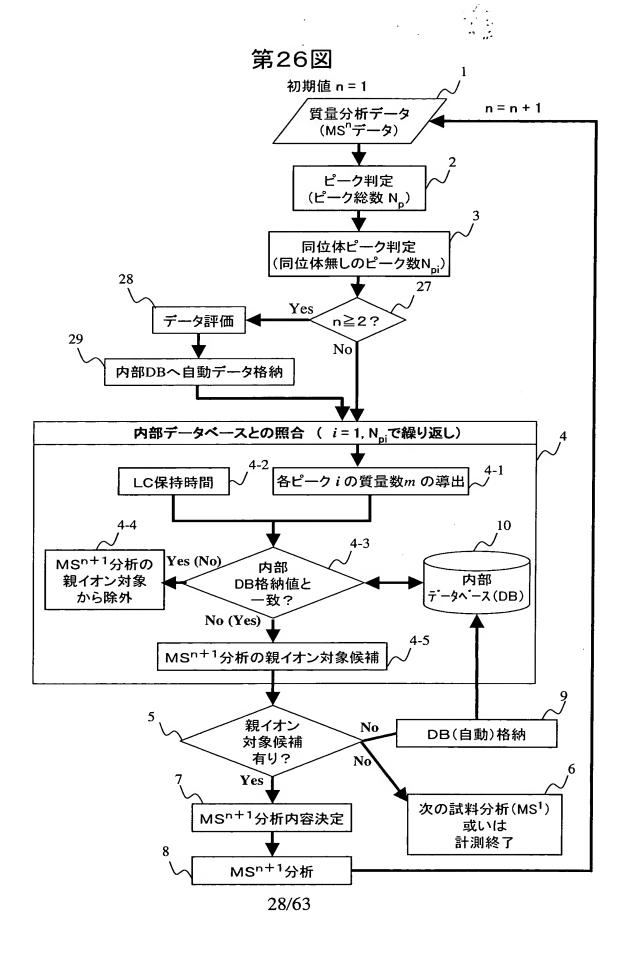
第24b図



第25図

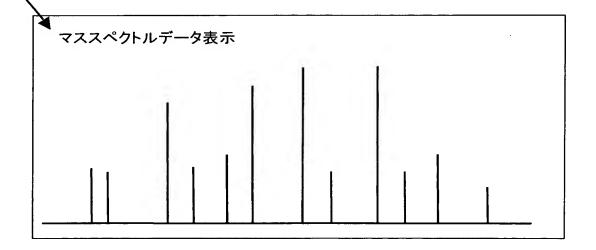
n lige Transfer Transfil

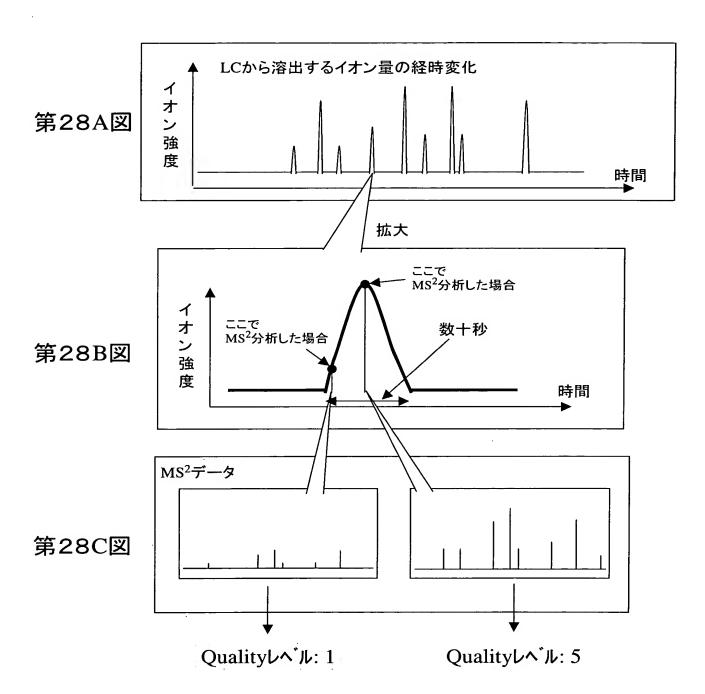




第27図

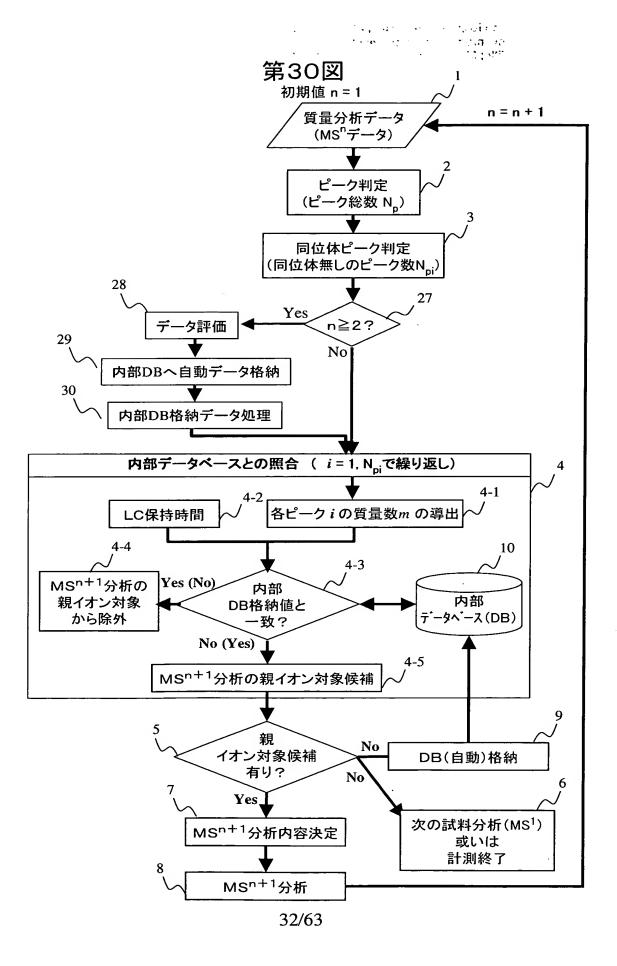
No.	-タベース M [Da]	価数z	7 [min]	Accumulation time[msec]	quality
1	921.23	2	24.5	260	5
2	926.09	2	26.9	345	4
3	973.26	2	32.0	289	4
4	700.39	2	34.1	401	5
5	480.66	2	39.2	269	3
6	582.29	2	44.7	159	2
7	1638.66	2	47.8	362	4
8	1954.86	3	50.8	410	5
/ 9k	507.8	2	51.1	359	5
/ 10 m	ック 1510.54	2	57.6	190	3
11	740.25	2	59.8	278	5
12	1478.5	2	61.3	371	4
•	•	•	•	•	•
•	•	•	•	•	•
•	•	•	•	•	•
•	•	•	•	•	• /



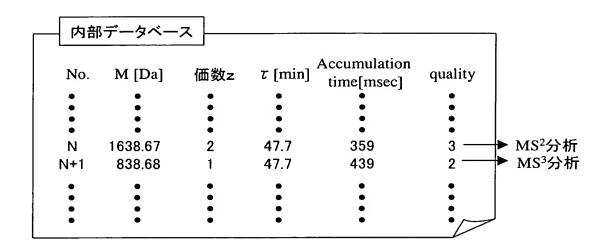


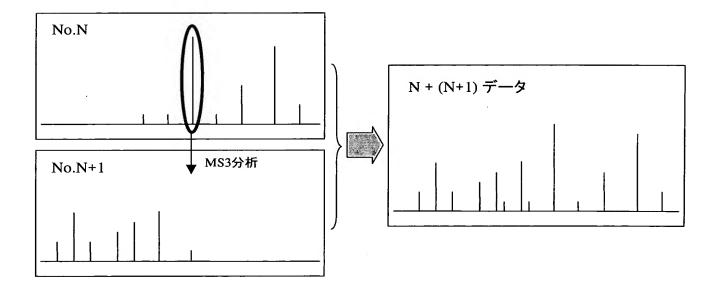
第29図

内剖	『データベー	-ス				٦
No.	M [Da]	価数z	τ [min]	Accumulation time[msec]	quality	
1	921.23	2	24.5	260	5	
2	926.09	2	26.9	345	4	
3	973.26	2	32.0	289	4	
4	700.39	2	34.1	401	5	
5	480.66	2	39.2	269	3	
6	582.29	2	42.7	159	2	
<u>7</u>	1638.66	<u>2</u>	47.6	362	2	
<u>8</u>	1638.67	<u></u>	47.7	359	2	
<u>9</u>	1638.65	<u></u>	47.7	339	3	
10	1638.66	<u></u>	47.7	352	3	
11	1638.67	<u></u>	47.8	254	4	
12	1638.68	2	47.8	262	5	
<u>13</u>	1638.66	2	47.8	219	5 \	
14	1638.65	2 2 2	47.8	285	4	≯ 同一イオンとみなせる
<u>15</u>	1638.66	2	47.8	248	5 ((質量数、価数、
<u>16</u>	1638.65	<u>2</u> 2	47.8	299	4	保持時間にて判定)
<u>17</u>	1638.68	<u></u>	<u>47.9</u>	280	4	
18	1638.67	<u>-</u>	47.9	310	3	
19	1638.67	<u></u>	48.0	307	3	
20	1638.64	<u>2</u> 2	48.0	336	3	
21	1638.65	<u>2</u>	48.0	318	3	*
22	1954.86	3	50.8	410	5	重複するデータを
23	507.8	2	51.1	359	5	データベースから削除
24	1510.54	2	57.6	190	3	
25	740.25	2	59.8	278	5	
26	1478.5	2	61.3	371	4	
•	•	•	•	•	•	
•	•	-	•	•	•	
•	•	•	•	•	•	
•	•	•	•	•	• /	1
•	•	•	•	•	• 1 /	
					1/	

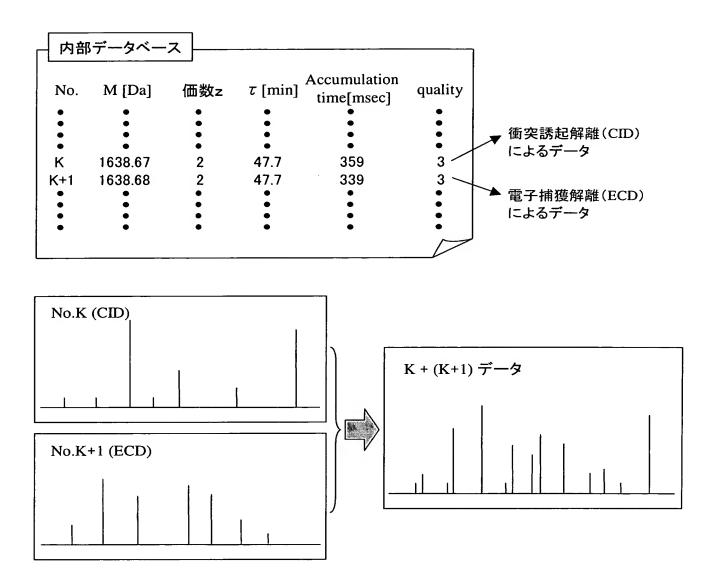


第31図

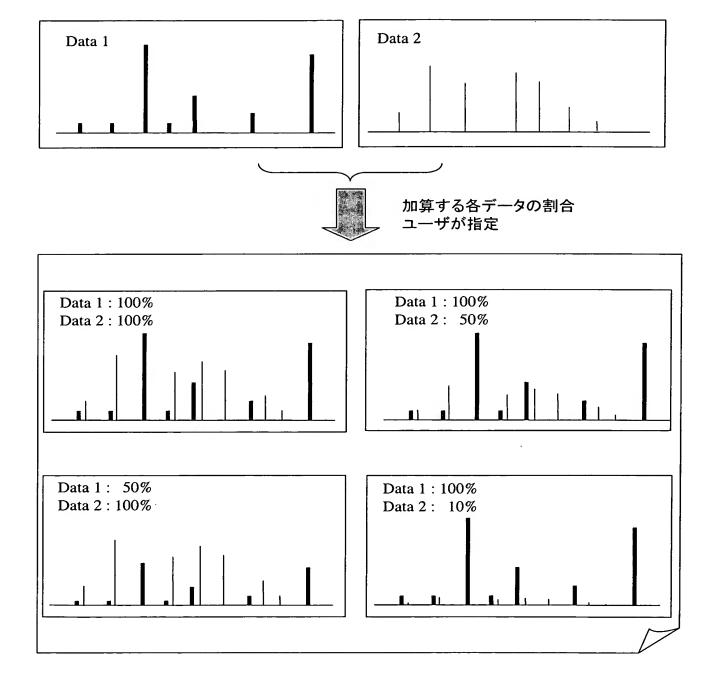


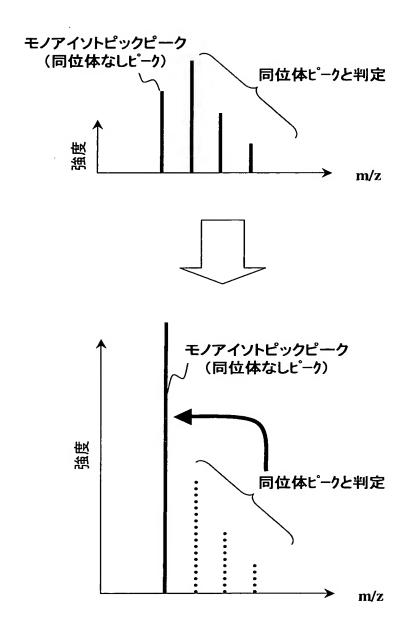


第32図



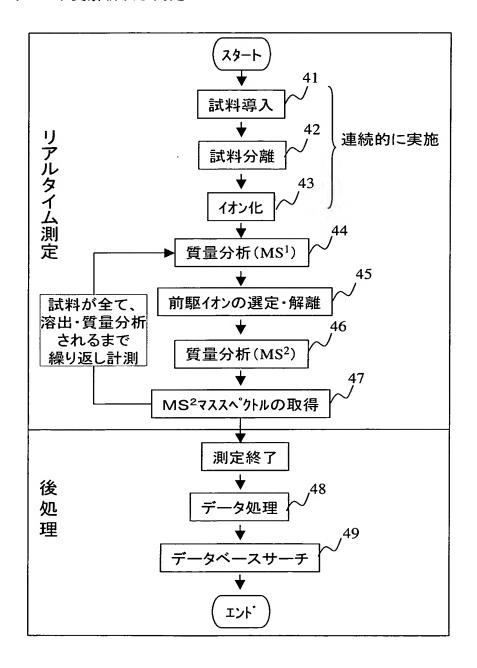
第33図





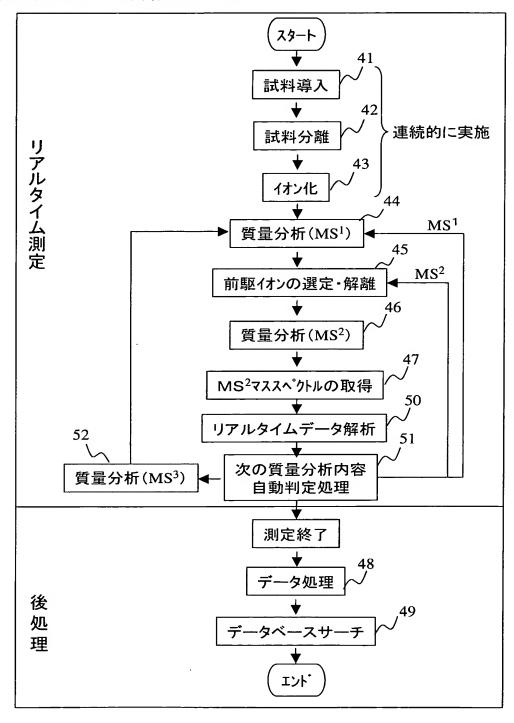
第35a図

従来のタンパク質解析及び同定フロー

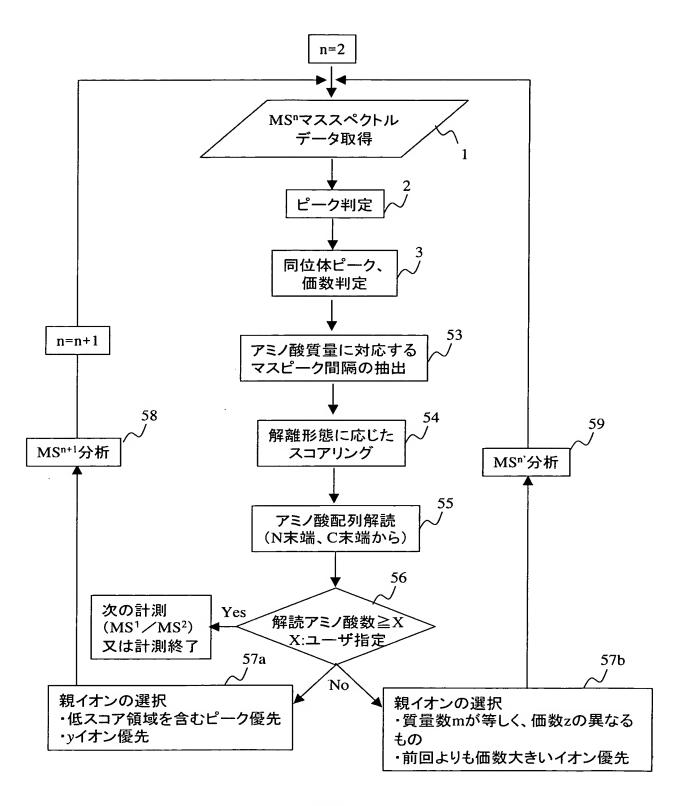


第35b図

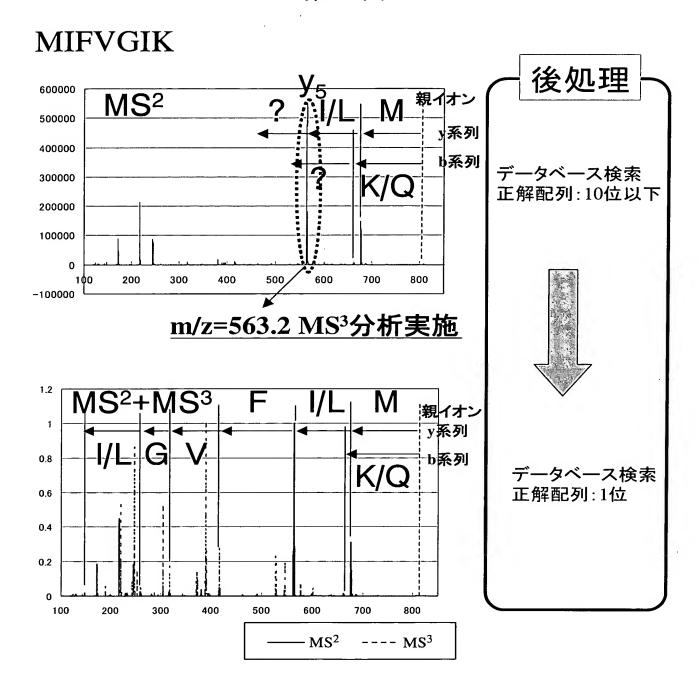
本実施例のタンパク質解析及び同定フロー



第36図

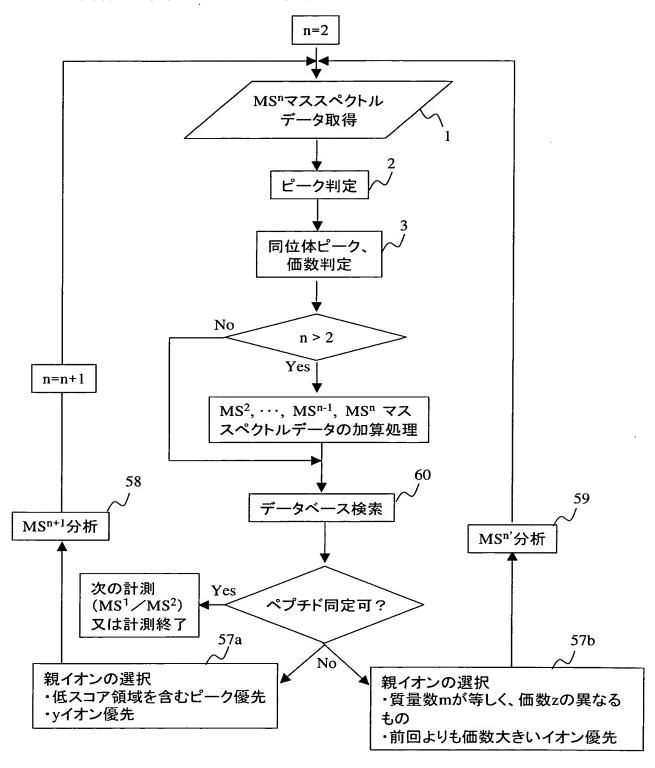


第37図

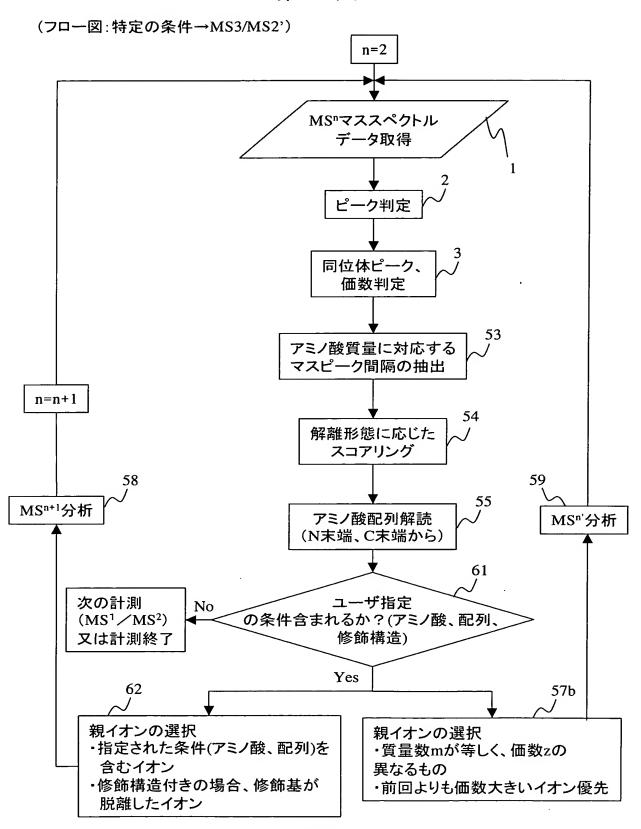


第38図

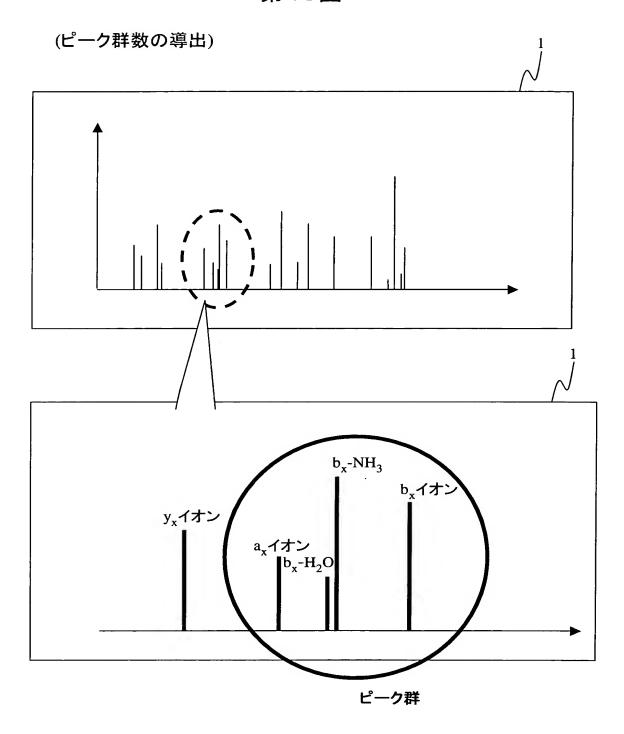
フロー図(リアルタイムデータベース検索)



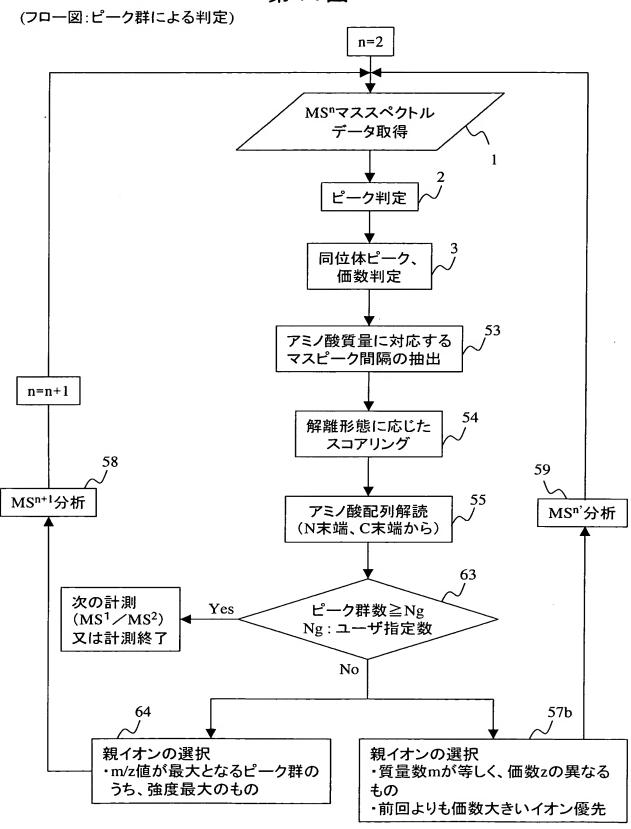
第39図



第40図

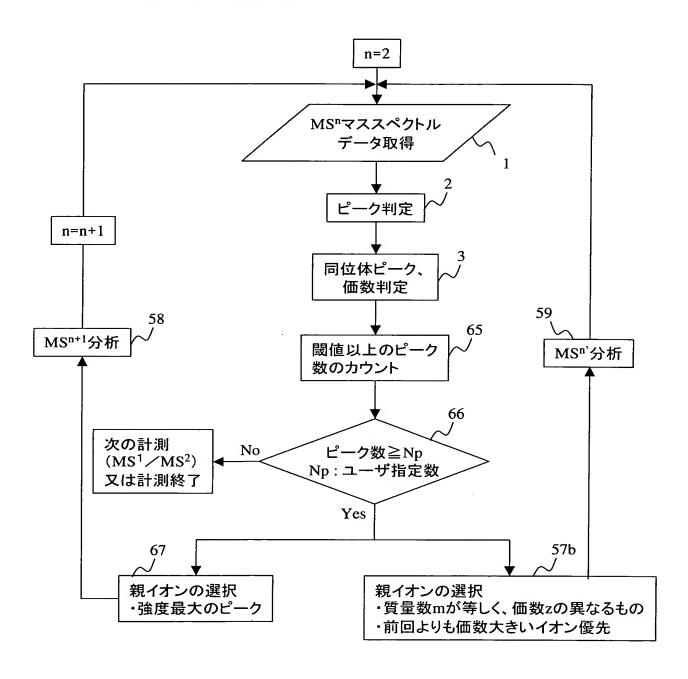


第41図

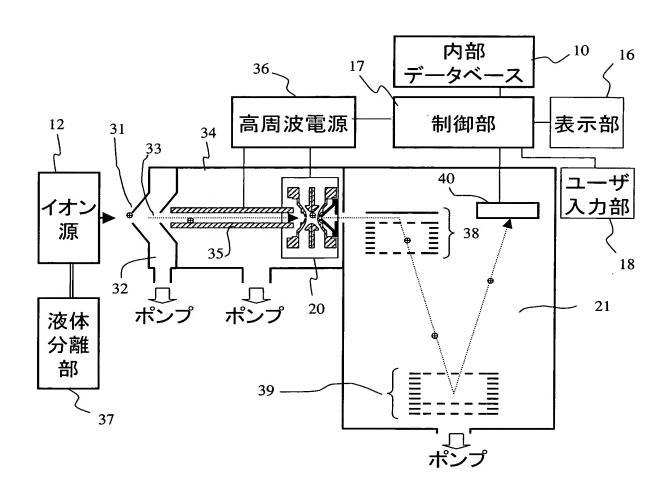


第42図

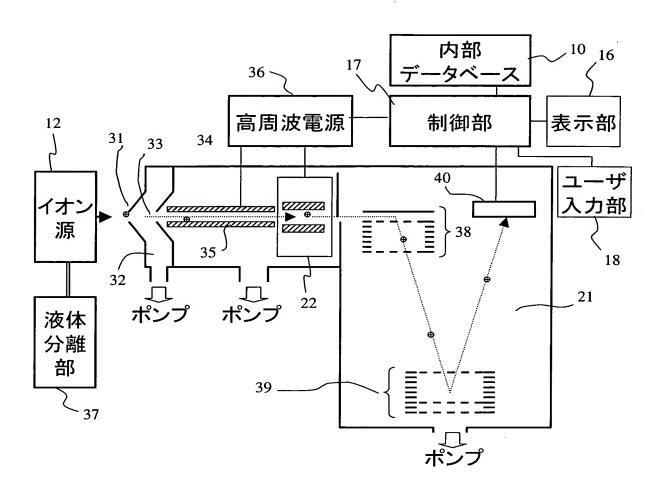
(フロ一図:ピーク数による判定)



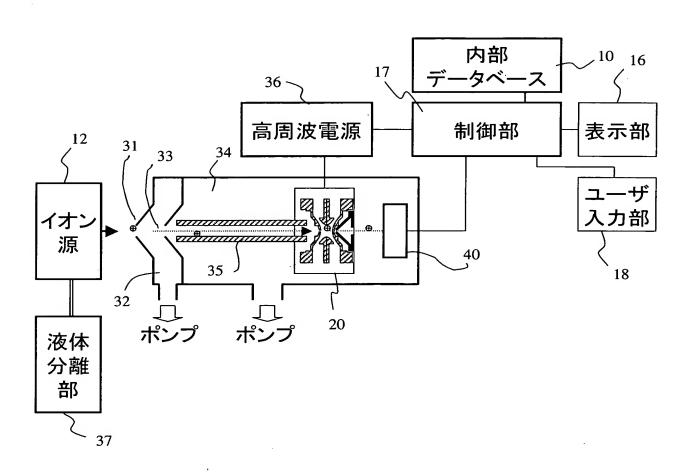
第43図



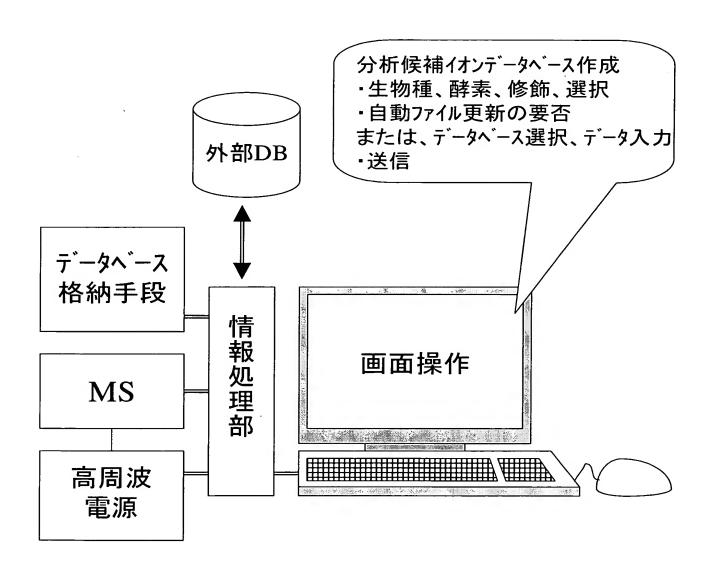
第44図



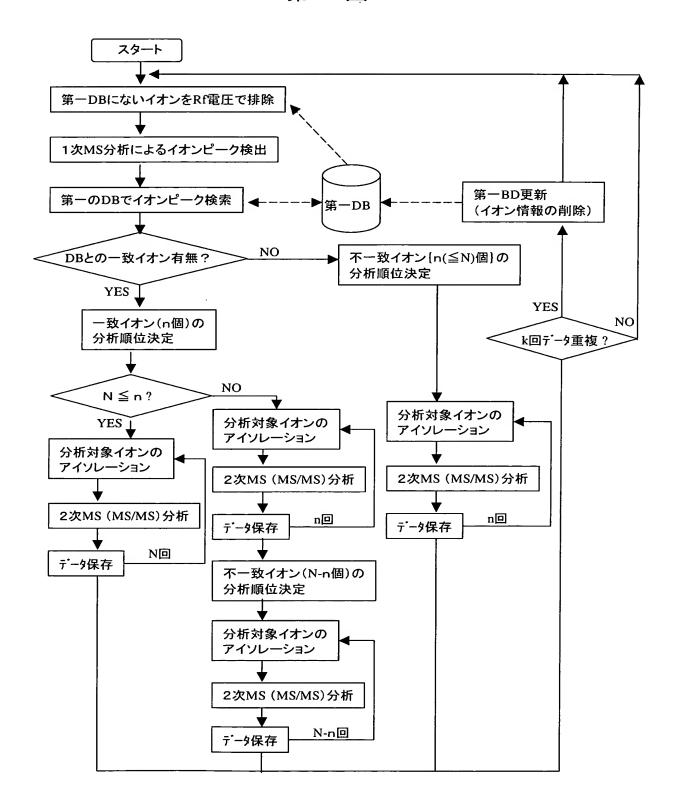
第45図



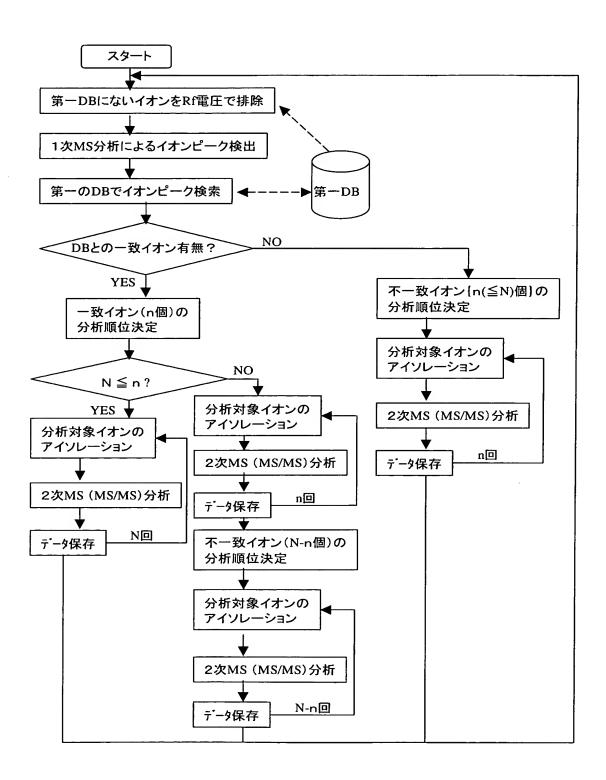
第46図



第47図

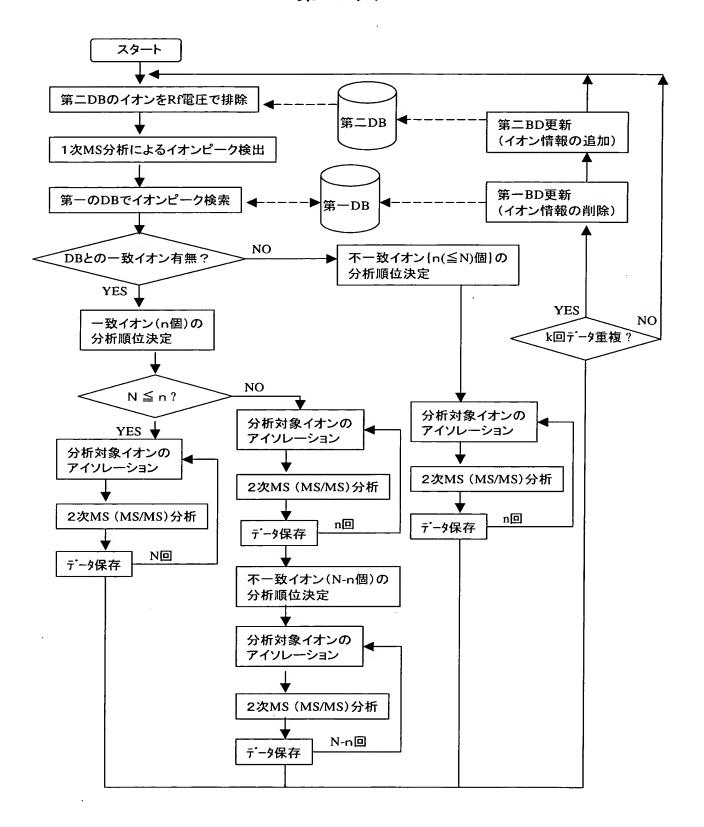


第48図

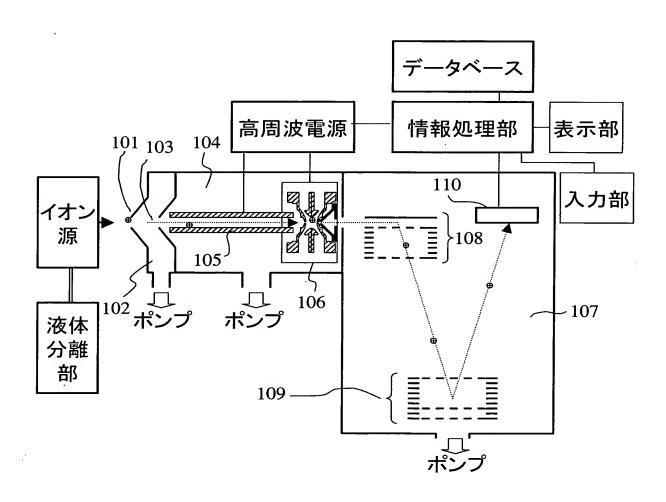


第49図

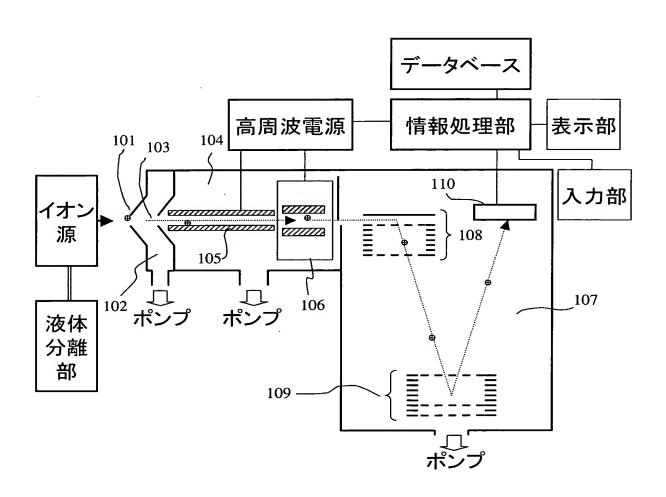
• •



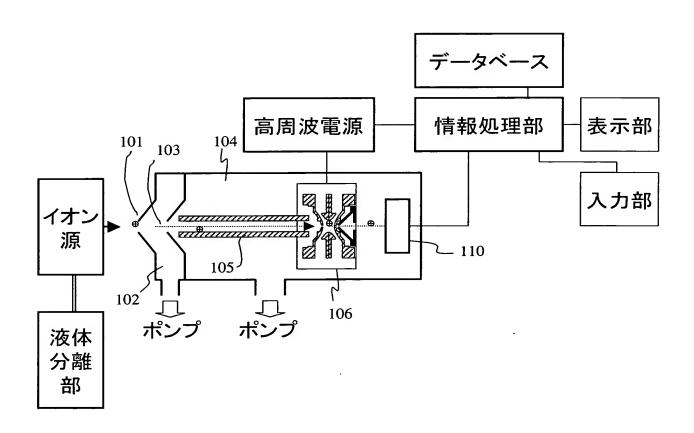
第50図

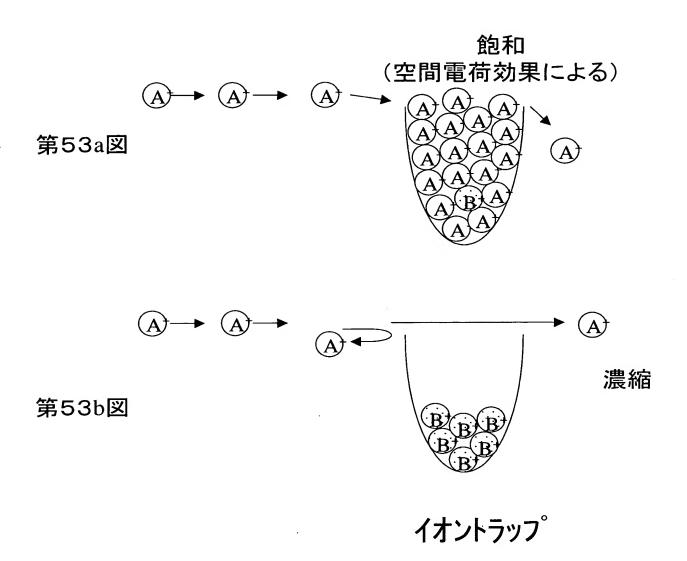


第51図

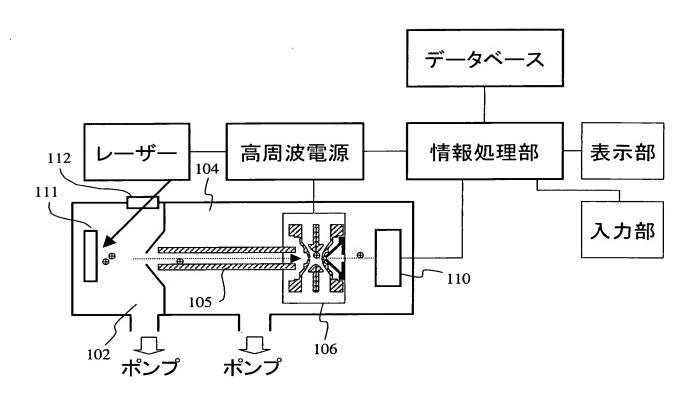


第52図

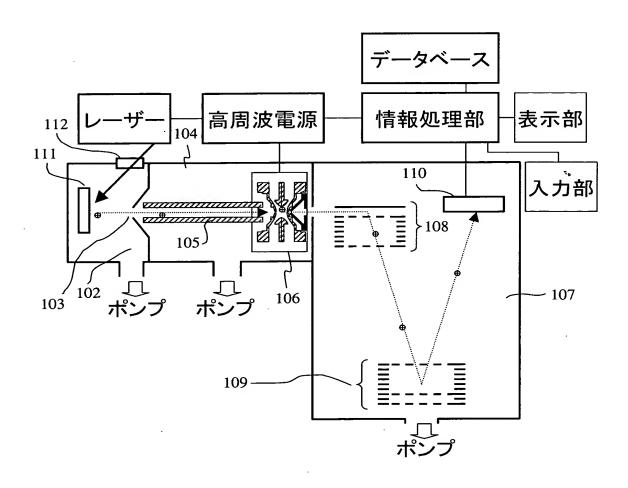




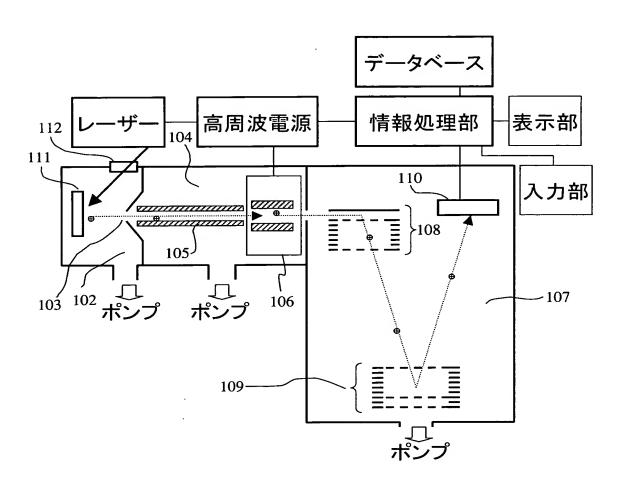
第54図



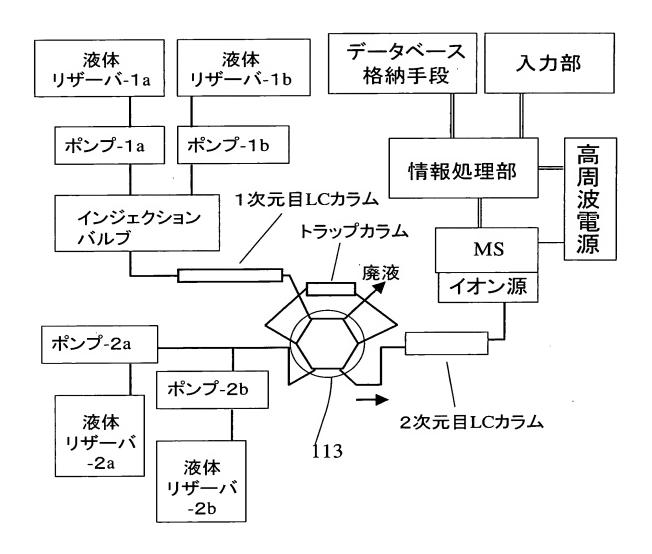
第55図



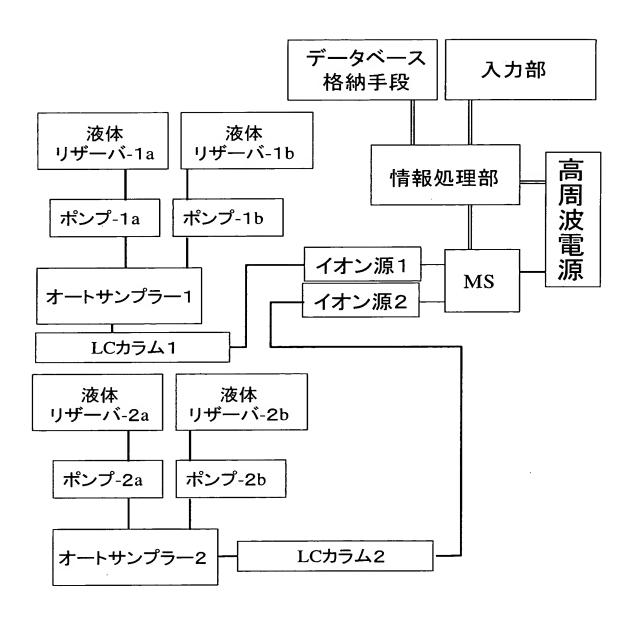
第56図

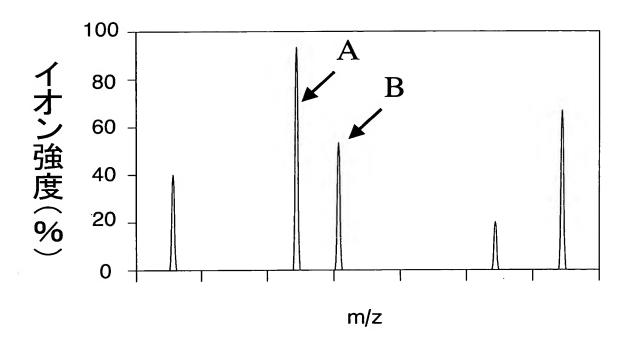


第57図



第58図





第60図

